

## Взаимосвязь геномного и расчетного инбридинга в популяции крупного рогатого скота голштинской породы Свердловской области

П. С. Богатова, Г. А. Лиходеевский, О. Е. Лиходеевская<sup>✉</sup>

Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия

<sup>✉</sup>E-mail: [lixodeevskaya@mail.ru](mailto:lixodeevskaya@mail.ru)

**Аннотация.** Цель – изучить изменение инбридинга купного рогатого скота голштинской породы Свердловской области, выявить корреляционные взаимосвязи геномных оценок инбридинга с расчетными по родословным. **Методы.** Исследование проводили в шести племенных организациях Свердловской области на 512 коровах и телках 2007–2022 г. р. и 12 быках. Генотипирования проводили на чипах GGP Bovine 150K (Neogen, США) и Bovine 50K (Illumina, США). Оценки геномного инбридинга  $F$  были проведены в PLINK v1.9 функцией --het. Коэффициент инбридинга по регионам гомозиготности  $F_{ROH}$  был рассчитан с помощью метода «скользящего окна» пакета detectRUNS;  $F_{PED}$  был взят из базы данных СЕЛЭКС, где он рассчитан по родословной с применением формулы Райта – Кисловского. **Научная новизна.** Впервые для крупного рогатого скота Свердловской области было проведено сравнение различных возрастных групп с помощью геномных оценок инбридинга и установлены корреляционные связи с инбридингом, рассчитанным по родословной. **Результаты.** По итогу исследовательской работы было обнаружено, что коэффициенты инбридинга значимо увеличиваются от младших возрастных групп к старшим. Максимальные же значения инбридинга достигаются в группе быков-производителей голштинской породы. В то же время уровень гетерозиготности, оцененный через sMLH, имеет тенденцию к снижению с возрастом. Также мы установили, что данные по инбридингу, рассчитанному по родословной ( $F_{PED}$ ), имеют наибольшую корреляцию с датой рождения особи. Помимо этого,  $F_{PED}$  слабо коррелирует с геномными коэффициентами, при том что последние коррелируют между собой с высокой степенью достоверности.

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, инбридинг, ДКН-биочип,  $F$ ,  $F_{ROH}$ ,  $F_{PED}$ , sMLH, голштинская порода

**Благодарности.** Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда, грант № 23-26-00260 (регистрационный номер 123042000077-0).

**Для цитирования:** Богатова П. С., Лиходеевский Г. А., Лиходеевская О. Е. Взаимосвязь геномного и расчетного инбридинга в популяции крупного рогатого скота голштинской породы Свердловской области // Аграрный вестник Урала. 2024. Т. 24, № 09. С. 1158–1171. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-09-1158-1171>.

**Дата поступления статьи:** 07.11.2023, **дата рецензирования:** 19.04.2024, **дата принятия:** 16.05.2024.

# The relationship between genomic and estimated inbreeding in the population of Holstein cattle in Sverdlovsk region

P. S. Bogatova, G. A. Likhodeevskiy, O. E. Likhodeevskaya ✉

Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia

✉ E-mail: [lixodeevskaya@mail.ru](mailto:lixodeevskaya@mail.ru)

**Abstract.** The purpose of this paper is to study the inbreeding change of Holstein cattle in Sverdlovsk region and to show the correlation between genomic and estimated inbreeding. **Methods.** The study was conducted in six farms of the Sverdlovsk region and included 512 cows and heifers with date of birth from 2007 to 2022 and 12 breeding bulls. Chips GGP Bovine 150K (Neogen, USA) and Bovine 50K (Illumina, USA) were used for genotyping. Genome inbreeding estimates  $F$  were conducted with --het function in PLINK v1.9. Homozygosity inbreeding coefficient  $F_{ROH}$  was calculated with “sliding window” package of detectRUNS;  $F_{PED}$  was taken from SELEX database, where it was calculated by pedigrees with Wright-Kislovsky formula. **Scientific novelty.** The comparison of genomic inbreeding for different age groups and estimation of correlations with pedigree inbreeding was conducted in Sverdlovsk region for the first time. **Results.** Our studies show that inbreeding coefficients increase radically from younger to older age groups. Holstein breed bulls show the highest value of inbreeding. At the same time heterozygosity level, estimated with sMLH tends to decrease with age. In addition, a strong correlation between estimated by pedigree inbreeding  $F_{PED}$  and date of birth, as well as weak correlations between  $F_{PED}$  and genomic coefficients (which have strong correlations with each other) were established.

**Keywords:** dairy cattle, inbreeding, DNA chips,  $F$ ,  $F_{ROH}$ ,  $F_{PED}$ , sMHL, Holstein cattle

**Acknowledgements.** The study was supported by the Russian Science Foundation, grant No. 23-26-00260 (registration number 123042000077-0).

**For citation:** Bogatova P. S., Likhodeevskiy G. A., Likhodeevskaya O. E. The relationship between genomic and estimated inbreeding in the population of Holstein cattle in Sverdlovsk region. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2024; 24 (09): 1158–1171. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-09-1158-1171>. (In Russ.)

**Date of paper submission:** 07.11.2023, **date of review:** 19.04.2024, **date of acceptance:** 16.05.2024.

## Постановка проблемы (Introduction)

Снижение генетического разнообразия и повышение инбридинга внутри популяций крупного рогатого скота волнует исследователей по всему миру. Большое количество работ посвящено изменению гомозиготного состояния популяций в пространстве и во времени, методам оценки инбридинга и его влиянию на продуктивные и фертильные качества крупного рогатого скота и, в частности, голштинской породы. Например, проведенная в Канаде оценка инбридинга и генетического разнообразия канадской популяции голштинов дала возможность К. Stachowicz с соавторами сделать выводы, что коэффициент инбридинга, рассчитанный по родословной ( $F_{PED}$ ), вырос в два раза с 1970-х по 1990-е годы, а в 2000-х отмечено его снижение даже ниже уровня 1970-х [1]. Исследователи утверждают, что причиной резкого снижения инбридинга стали осведомленность о высоких степенях инбридинга и его быстрый рост в 1990-х годах, а также использование алгоритмов подбора пар и системы BLUP

(Best Linear Unbiased Prediction), позволяющей делать выводы о практической племенной оценке.

Традиционно коэффициент инбридинга в отечественных трудах рассчитывается по родословной с применением формулы Райта в модификации Кисловского [2; 3]. Уральскими учеными в Свердловской области оценка инбридинга впервые была введена в 2012 году [4]. Уже на тот момент И. М. Донник и др., говоря о проблемах, связанных с инбридингом популяции молочного скота, которые можно ожидать в будущем, указывали на их предпосылки. К ним отнесли малое число быков-производителей и то, что их подавляющее большинство принадлежит лишь двум голштинским линиям. В работе также оговаривается, что серьезной проблемой является ненадлежащее заполнение родословной, из-за чего для 13 из 20 хозяйств Свердловской области было невозможно корректно рассчитать доли инбредных особей в поголовье. Мировые научные исследования [5; 6] также упоминают о сложности установления коэффициента инбридинга, рас-

считанного по родословной в связи с неполными данными, внесенными в базы учета родословных. Помимо этого, в отношении  $F_{PED}$  как достоверной оценки инбридинга есть другие возражения. Так, теоретическое исследование, проведенное М. Kardos с коллегами в 2015 году, построенное на компьютерной симуляции популяций, для которых данные родословной не могли быть утрачены и подвержены изменению, показало, что геномные оценки инбридинга точнее, чем инбридинг, рассчитанный по родословной [7].

Дальнейшие публикации, касающиеся инбридинга в популяции крупного рогатого скота Свердловской области, были посвящены оценке его влияния по отношению к различным характеристикам крупного рогатого скота молочного направления продуктивности, например, на живую массу, молочную продуктивность, качество молока и воспроизводительную способность, на продуктивное долголетие коров и в целом оценку экономической эффективности инбридинга [8–11].

Развитие геномных технологий расширило наши возможности. Появились и распространились методы, позволяющие проводить геномную селекцию в животноводстве. Один из самых доступных способов оценки геномного инбридинга – использование STR-маркеров (микросателлитных локусов), которые обычно используются для подтверждения происхождения. Коэффициент инбридинга, основанный на STR-маркерах, ассоциирован с оценкой племенной ценности животных, их хозяйственно полезных качеств [12] и экстерьерных характеристик [13]. Но сегодня для крупного рогатого скота наиболее широкое распространение получила технология генотипирования множества точковых полиморфизмов с применением ДНК-биочипов. Некоторые исследования указывают на особенности применения ДНК-биочипов для определения генотипов отечественных пород и утверждают, что эта технология имеет свои ограничения. Так, для холмогорской и ярославской пород рассчитанные оценки инбридинга оказались занижены по сравнению с голштинами. А. С. Абдельманова с соавторами отмечают, что подобное смещение оценки может происходить из-за специфики дизайна ДНК-биочипа, не учитывающего российские породы и не включающего локусы, характерные для подобных особей [14]. Однако мы не ожидаем занижения оценок инбридинга, поскольку известно близкое родство скота молочного направления Свердловской области и голштинской породы [15]. История формирования уральского черно-пестрого крупного рогатого скота восходит к скрещиванию местной тагильской породы и остфризского европейского скота. Остфризская же порода происходит из голландской, от которой, в свою очередь, в Северной Америке получена голштинская порода. Сегодня

зарубежный и местный генетический материал голштинского скота, активно использовавшийся и используемый для улучшения черно-пестрой породы, привел практически к полному замещению последней в Свердловской области.

Существует большое количество геномных оценок инбридинга. Мы сосредоточили свое внимание на трех:  $F$  [16],  $F_{ROH}$  [17] и  $sMLN$  [18]. Коэффициент инбридинга  $F$  определяется как ожидаемая степень снижения гетерозиготности по сравнению с ожиданием Харди – Вайнберга;  $F_{ROH}$  основан на определении регионов гомозиготности (runs of homozygosity, ROH) и рассчитывается как отношение суммы длин ROH к размеру всего генома;  $sMLN$ , или стандартизированная мультилокусная гетерозиготность, это отношение полиморфных локусов к наблюдаемой гетерозиготности. Отмечается, что геномный инбридинг на основе регионов гомозиготности является наиболее надежной оценкой [19].

А. Najihosseino с соавторами показали, что геномные оценки инбридинга, основанные на данных генотипирования с помощью ДНК-биочипов, приобрели широчайшее применение для описания генетической структуры популяций крупного рогатого скота [20]. Большое количество работ, посвященных сравнению различных молочных пород между собой, показывают, что у голштинского скота по сравнению с джерсейской, айрширской и бурой швицкой породами геномные оценки инбридинга ниже [21–23]. Помимо исследования инбридинга, изучается его связь с хозяйственно полезными признаками. Определение регионов гомозиготности позволяет находить ассоциированные гены и группы сцепления, которые сохраняются из поколения в поколение, поскольку несут локусы ответственные за высокие продуктивные качества [24; 25].

В 2020 году А. А. Сермягиным в соавторстве с О. А. Быковой и О. Г. Лоретц в Свердловской области было проведено первое исследование по оценке влияния инбридинга на продуктивные качества, в котором инбридинг рассчитывался не по родословной, а по данным генотипирования [26]. Геномные данные стали использоваться во все большем числе исследований для расчета инбридинга в регионах Российской Федерации. М. Г. Смарагдовым и А. А. Кудиновым установлено, что инбридинг, рассчитанный на основе регионов гомозиготности, варьировал в среднем от 5,5 до 8 %; а в геноме голштинизированных черно-пестрых коров из Ленинградской области количество ROH-последовательностей примерно в два раза меньше, чем у американского голштинского скота [27]. Авторы работы отмечают, что наиболее вероятной причиной этого может служить базовый генофонд черно-пестрой породы крупного рогатого скота. Исследование инбридинга быков-производителей черно-пестрой породы, голштинской породы крас-

но-пестрой масти и голштинской породы черно-пестрой масти установило достоверно значимое увеличение показателя инбридинга от более старых групп животных к более молодым. Этот факт обусловлен тем, что селекционная работа по улучшению продуктивных характеристик проводится внутри группы, при этом используется достаточно небольшое количество улучшателей, которые отбираются по признакам молочной продуктивности и фертильности. Также на основе расчета геномного инбридинга И. С. Недашковским с соавторами сделаны выводы о значимых различиях между группами быков-производителей Российской Федерации от животных, рожденных в Германии и Канаде [28]. Оценка уровня инбридинга на фертильные характеристики быков-производителей показала, что с его увеличением с 4,1 % до 10,9 % повышается средний объем эякулята, числа сперматозоидов в среднем объеме эякулята, при этом, что немаловажно, с сохранением активности сперматозоидов [29]. Помимо этого, проводили анализ изменения продуктивных качеств дочерей, и по мере роста коэффициента инбридинга наблюдалось увеличение удоя за 305 дней лактации, количества молочного жира, белка молока, продолжительности лактации. Однако одновременно снижается доля молочного жира и белка.

Экономический эффект инбридинга (а конкретнее – эффект инбредной депрессии) может быть достаточно затруднительно оценить. В первую очередь оценка по  $F_{PED}$ , вероятно, не даст достоверных результатов из-за неполного соответствия этих данных геномным коэффициентам инбридинга. Помимо этого, встречается проблема с доступностью и достоверностью данных хозяйственно полезных признаков, таких как удой, жир- и белкомолочность, количество соматических клеток в молоке; а также с показателями фертильности. Однако существует множество зарубежных экономических оценок влияния инбридинга на данные показатели. В исследовании 2006 года голштинского скота [30] показано, что  $F_{PED}$  снижал удой, содержание жира и белка за лактацию на каждый 1 % прироста инбридинга, и экономический ущерб оценивается в 6,13 евро за каждый 1 %. В другой работе инбредная депрессия на 1 % прироста  $F_{PED}$  также вызывает снижение выхода молока, белка и жира; увеличивается интервал между отелами третьей лактации и возраст первого отела, а высокие значения инбридинга матерей повышает частоту трудных отелов; животные с более высоким значением инбридинга, как правило, имеют более высокие показатели соматических клеток в молоке [31].

Оценки экономического эффекта инбредной депрессии, основанные на геномных коэффициентах инбридинга, например  $F_{ROH}$ , также приводят к выводам о негативном влиянии возрастания инбридинга

на продуктивные качества коров: уменьшение удоя, снижение фертильности [32–36]. Оценки инбредной депрессии, основанные на  $F_{PED}$ , требуют достоверности данных происхождения, что не всегда возможно по причинам утраченных данных, ошибок и человеческого фактора, поэтому современные работы используют геномные коэффициенты инбридинга, но родословная остается незаменимым источником информации при работе с давно выбывшими особями.

#### Методология и методы исследования (Methods)

Отбор образцов проводили в шести племенных хозяйствах Свердловской области. Всего в группу исследования было отобрано 512 полновозрастных коров 2007–2022 годов рождения и 12 быков-производителей.

Для генотипирования отбирали кровь из подвостовой вены в пробирки с ЭДТА. Работа по генотипированию проводилась в сторонних организациях. Кровь в количестве 274 образцов была отправлена для выделения ДНК и генотипирования на чипах GGP Bovine 150K (Neogen, США) в Центр коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» на базе ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста, другие 250 образцов крови были отправлены в ООО «Мираторг» Центр геномной селекции для генотипирования на чипах Bovine 50K (Illumina, США).

Первичную фильтрацию по Gene Score > 0,35 проводили в программном обеспечении R [37]. Последующие фильтрации по отсутствующим данным генотипов проводили с помощью PLINK v1.9 [38] и опций --geno 0.05 --mind 0.05. В результате проведенной фильтрации для анализа представленного поголовья Свердловской области были доступны 472 образца и 40 506 однонуклеотидных полиморфизмов.

Оценки геномного инбридинга  $F$  были проведены в PLINK v1.9 функцией --het. Коэффициент инбридинга по регионам гомозиготности  $F_{ROH}$  был рассчитан с помощью метода «скользящего окна» пакета detectRUNS [39] со следующими настройками: размер окна – 20 однонуклеотидных полиморфизмов; threshold – 0,1; плотность – 1 однонуклеотидный полиморфизм на 90 000 нуклеотидных пар; минимальное число однонуклеотидных полиморфизмов в ROH – 18; допускали 1 гетерозиготный и 1 пропущенный локус на регион. Фильтрацию по частоте минорного аллеля и неравновесного сцепления не проводили в соответствии с рекомендациями для данных ДНК-чипов средней плотности [40]. Стандартизованную мультилокусную гетерозиготность (sMLH) рассчитывали с помощью R-пакета inbreedR [41]. Данные  $F_{PED}$  брали из базы СЕЛЭКС и из каталогов быков-производителей. Нормализацию данных проводили с помощью метода минимакс.

Таблица 1  
 Результаты расчетов инбридинга внутри возрастных групп, проведенные различными методами

Группа	F M ± SD	F <sub>ROH</sub> M ± SD	sMLH M ± SD	F <sub>PED</sub> M ± SD	Число особей
2007–2012	-0,047 ± 0,032	0,007 ± 0,004	1,035 ± 0,031	0,294 ± 0,644	136
2013–2016	-0,030 ± 0,027	0,009 ± 0,003	1,018 ± 0,027	0,463 ± 0,591	102
2017–2018	-0,003 ± 0,031	0,012 ± 0,003	0,992 ± 0,030	0,610 ± 0,620	115
2019–2022	0,001 ± 0,031	0,012 ± 0,004	0,988 ± 0,030	0,809 ± 0,600	108
Голштинские быки	0,018 ± 0,032	0,015 ± 0,004	0,954 ± 0,031	3,300 ± 2,940	11

Table 1  
 Results of inbreeding calculations within age groups by different methods

Group	F M ± SD	F <sub>ROH</sub> M ± SD	sMLH M ± SD	F <sub>PED</sub> M ± SD	Number of individuals
2007–2012	-0.047 ± 0.032	0.007 ± 0.004	1.035 ± 0.031	0.294 ± 0.644	136
2013–2016	-0.030 ± 0.027	0.009 ± 0.003	1.018 ± 0.027	0.463 ± 0.591	102
2017–2018	-0.003 ± 0.031	0.012 ± 0.003	0.992 ± 0.030	0.610 ± 0.620	115
2019–2022	0.001 ± 0.031	0.012 ± 0.004	0.988 ± 0.030	0.809 ± 0.600	108
Holstein bulls	0.018 ± 0.032	0.015 ± 0.004	0.954 ± 0.031	3.300 ± 2.940	11

Таблица 2  
 Средние, стандартные отклонения и коэффициент вариации нормализованных оценок инбридинга и гетерозиготности внутри групп

Группа	F M ± SD	F CV	F <sub>ROH</sub> M ± SD	F <sub>ROH</sub> CV	sMLH M ± SD	sMLH CV	F <sub>PED</sub> M ± SD	F <sub>PED</sub> CV
2007–2012	0,275 ± 0,119	43,313	0,229 ± 0,156	68,257	0,719 ± 0,119	16,533	0,035 ± 0,077	218,752
2013–2016	0,340 ± 0,103	30,354	0,323 ± 0,131	40,581	0,654 ± 0,103	15,731	0,055 ± 0,070	127,642
2017–2018	0,439 ± 0,117	26,632	0,441 ± 0,136	30,935	0,552 ± 0,118	21,361	0,073 ± 0,074	101,72
2019–2022	0,457 ± 0,115	25,209	0,445 ± 0,152	34,14	0,535 ± 0,117	21,812	0,096 ± 0,071	74,163
Голштинские быки	0,522 ± 0,119	22,85	0,559 ± 0,170	30,423	0,405 ± 0,118	29,278	0,392 ± 0,350	89,095

Table 2  
 Means, standard deviations, and coefficient of variation of normalized estimates of inbreeding and heterozygosity within groups

Group	F M ± SD	F CV	F <sub>ROH</sub> M ± SD	F <sub>ROH</sub> CV	sMLH M ± SD	sMLH CV	F <sub>PED</sub> M ± SD	F <sub>PED</sub> CV
2007–2012	0.275 ± 0.119	43.313	0.229 ± 0.156	68.257	0.719 ± 0.119	16.533	0.035 ± 0.077	218.752
2013–2016	0.340 ± 0.103	30.354	0.323 ± 0.131	40.581	0.654 ± 0.103	15.731	0.055 ± 0.070	127.642
2017–2018	0.439 ± 0.117	26.632	0.441 ± 0.136	30.935	0.552 ± 0.118	21.361	0.073 ± 0.074	101.72
2019–2022	0.457 ± 0.115	25.209	0.445 ± 0.152	34.14	0.535 ± 0.117	21.812	0.096 ± 0.071	74.163
Holstein bulls	0.522 ± 0.119	22.85	0.559 ± 0.170	30.423	0.405 ± 0.118	29.278	0.392 ± 0.350	89.095

По причине несбалансированности данных по годам рождения для анализа временных изменений инбридинга в популяции данные маточного поголовья были разделены на кварталы по периодам годов рождения; быки-производители голштинской породы были сформированы в отдельную группу.

Прежде чем оценивать различия между группами разных возрастов (и группой быков-произ-

водителей), проводили проверку нормального распределения геномных индексов инбридинга и F<sub>PED</sub> с помощью теста Шапиро – Уилка [42], функция shapiro.test() пакета stats [37] для R. Проверку однородности групповых дисперсий проводили с помощью теста Флигнера, функция fligner.test() из того же пакета.

Для определения достоверности различий коэффициентов инбридинга между группами использовали тест Краскела – Уоллиса, `kruskal.test()` пакета `stats`.

Для оценки корреляции между различными коэффициентами инбридинга использовали коэффициент корреляции Пирсона исходя из предположения о линейной связи между ними, функция `cor()`, пакет `compositions` [43] для  $R$ .

### Результаты (Results).

Результаты расчетов средних ( $M$ ) и стандартных отклонений ( $SD$ ) геномного инбридинга  $F$ , коэффициента инбридинга по регионам гомозиготности  $F_{ROH}$ , оценки гетерозиготности  $sMLH$  и инбридинга, рассчитанного по родословной  $F_{PED}$  внутри возрастных групп, представлены в таблице 1. Коэффициенты инбридинга возрастают от группы 2007–2012 годов рождения к группе 2019–2022, а максимальные значения достигаются в группе быков-производителей, принадлежащих голштинской породе. Обратная тенденция наблюдается для  $sMLH$ ; поскольку это мера гетерозиготности, значения данного показателя убывают. Показатель геномного инбридинга за анализируемый период возрос в 1,5–2 раза, а оценка гетерозиготности снизилась на 70 %; тогда как расчетный инбридинг увеличился в 3 раза. Наибольшая дисперсия наблюдается для данных  $F_{PED}$ , что говорит о большом разбросе данных внутри этих наблюдений (таблица 2). Стоит отметить, что коэффициент вариации ( $CV$ ) также уменьшается от группы 2007–2012 к группе 2019–2022 для коэффициентов инбридинга и увеличивается для  $sMLH$ , что говорит об уменьшении внутригрупповой дисперсии и может служить свидетельством большей вариабельности генетической информации в группе старших особей по сравнению с молодыми.

Полученные результаты сравнения групп между собой подтверждают общеизвестный тренд увеличения гомозиготности в популяции крупного рогатого скота со временем в процессе активного селекционного отбора. Так, для всех типов коэффициентов сравнение медиан методом Краскела – Уоллиса демонстрирует значимые различия не только для наиболее контрастных групп маточного поголовья 2007–2012 и 2019–2022 годов ( $p \ll 0,001$ ), но и между ближайшими парами (рис. 1). Исключениями являются пара 2017–2018 и 2019–2022 для коэффициентов  $F$  и  $sMLH$ , а также 2013–2016 и 2017–2018 для  $F_{PED}$ . По коэффициенту  $F$  различия в степени инбридинга отсутствуют между 2019–2022 и голштинскими быками. Метод Краскела – Уоллиса (непараметрический метод анализа различий между группами) был выбран, поскольку внутри групп не соблюдалось правило нормального распределения и однородности групповых дисперсий.

Несмотря на то что и геномные оценки гомозиготности, и коэффициент, основанный на родословной, демонстрируют значимые различия между возрастными группами, коэффициент корреляции ( $R$ ) для  $F_{PED}$  и даты рождения в два раза ниже по сравнению с геномными коэффициентами (рис. 2). При этом между годом рождения и геномным коэффициентом инбридинга особи наблюдается корреляция выше 0,5. Оценка гетерозиготности  $sMLH$  имеет обратную корреляцию с годом рождения особи и находится в абсолютных значениях на том же уровне, что и корреляции инбридинга.

Поскольку считается, что геномные оценки точнее, мы сравнили геномные коэффициенты инбридинга ( $F$ ,  $F_{ROH}$ ) и стандартизированной мультилокусной гетерозиготности ( $sMLH$ ) с инбридингом, рассчитанным по родословной ( $F_{PED}$ ), данные о котором были взяты из базы СЕЛЭКС. Геномные оценки  $F$ ,  $F_{ROH}$  и  $sMLH$  значимо ( $p \ll 0,01$ ) коррелируют друг с другом в пределах 0,86–1 в абсолютных значениях. Показатель стандартизированной мультилокусной гетерозиготности имеет отрицательную корреляцию по отношению к коэффициентам инбридинга (мерам гомозиготности). Несмотря на то что геномные оценки также значимо ( $p \ll 0,01$ ) коррелируют с  $F_{PED}$ , степень корреляции в абсолютных значениях в 2–3 раза ниже (0,34–0,37) по сравнению с корреляцией геномных оценок между собой.

Стоит отметить, что для маточного поголовья разных возрастных групп корреляция между геномными оценками гомозиготности и  $F_{PED}$  или недостоверна, или коррелирует достаточно слабо (в абсолютных значениях  $R < 0,4$ ), при этом уровень корреляции между геномными оценками в абсолютных значениях выше 0,7 (рис. 4). Данные  $F_{PED}$  и геномных коэффициентов гомозиготности у быков-производителей коррелируют, хоть и слабее, но в большей степени ( $R > 0,6$ ). Подобное свидетельствует в пользу того, что корректное ведение родословной и расчет на ее основе инбридинга по Райту может давать достаточно достоверные данные о степени инбридинга животного. К схожим выводам приходят исследования швейцарского [5] и итальянского [20] голштинского скота, где корреляция между  $F_{PED}$  и геномными оценками инбридинга ( $F$  и  $F_{ROH}$ ) составила более 0,6.

### Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

В ходе работы над проведенным исследованием нам удалось собрать образцы нескольких возрастных групп крупного рогатого скота молочного направления продуктивности Свердловской области. Была сформирована выборка крупного рогатого скота, в которую вошли особи, рожденные за пятнадцатилетний период с 2007 по 2022 год. Образцы генотипированы на ДНК-биочипах средней плотности Bovine 50k и GGP Bovine 150k.

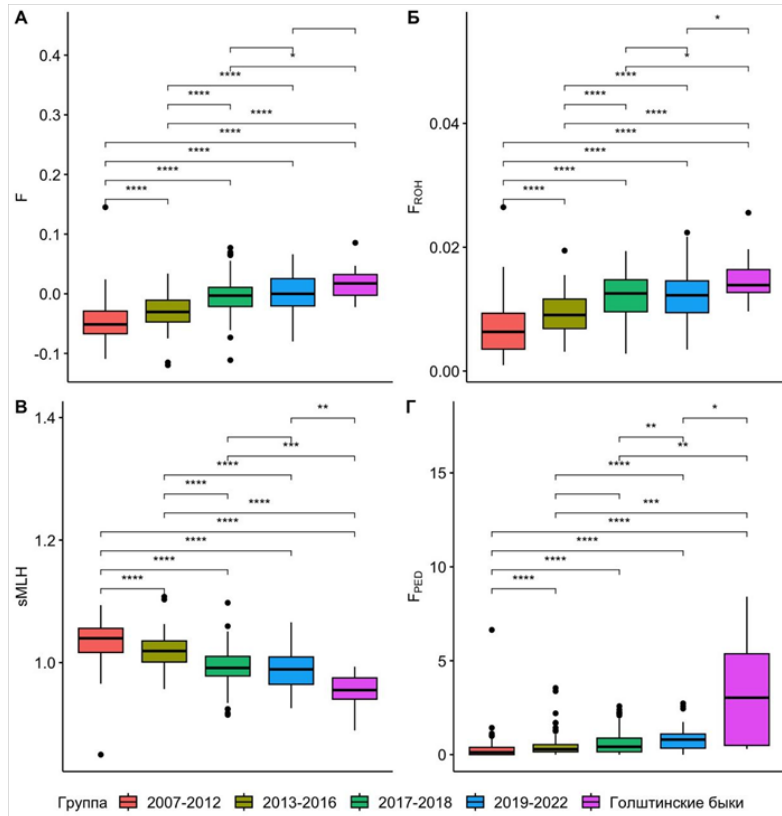


Рис. 1. Результаты сравнения достоверности различий степеней инбридинга разных возрастных групп маточного поголовья и группы голштинских быков-производителей. А – коэффициент инбридинга  $F$ ; Б – коэффициент инбридинга  $F_{ROH}$ ; В – коэффициент  $sMLH$ ; Г – коэффициент инбридинга  $F_{PED}$ ; \*  $p < 0,05$ ; \*\*  $p < 0,01$ ; \*\*\*  $p < 0,001$ ; \*\*\*\*  $p < 0,0001$

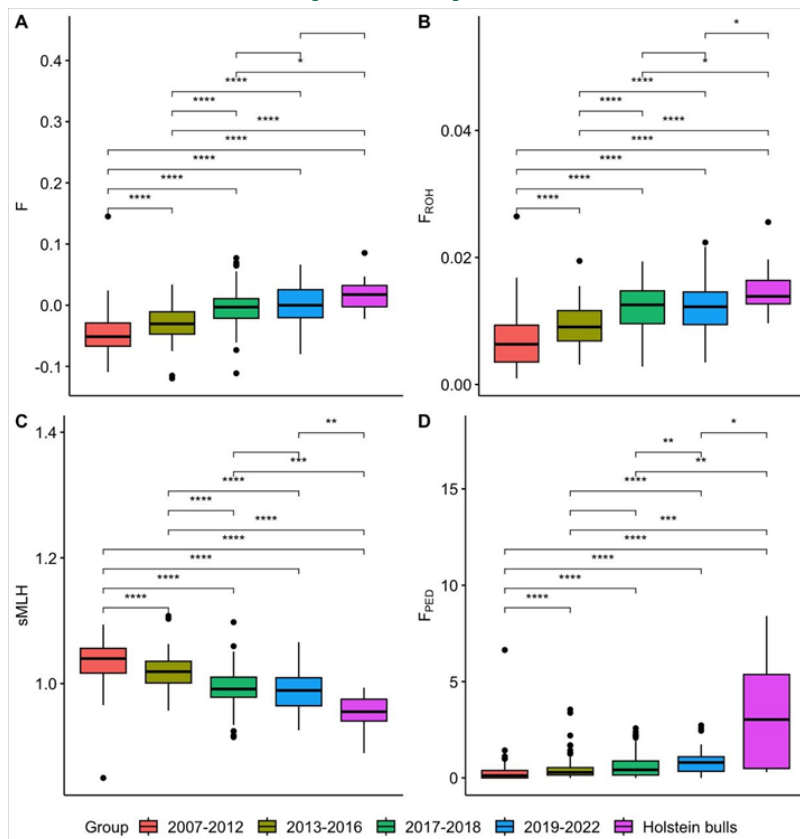


Fig. 1. Comparison results of the reliability of differences in the degrees of inbreeding for different age groups of breeding stock and the group of Holstein sires. A – inbreeding coefficient  $F$ ; B – inbreeding coefficient  $F_{ROH}$ ; C –  $sMLH$  coefficient; D –  $F_{PED}$  coefficient; \*  $p < 0.05$ ; \*\*  $p < 0.01$ ; \*\*\*  $p < 0.001$ ; \*\*\*\*  $p < 0.0001$

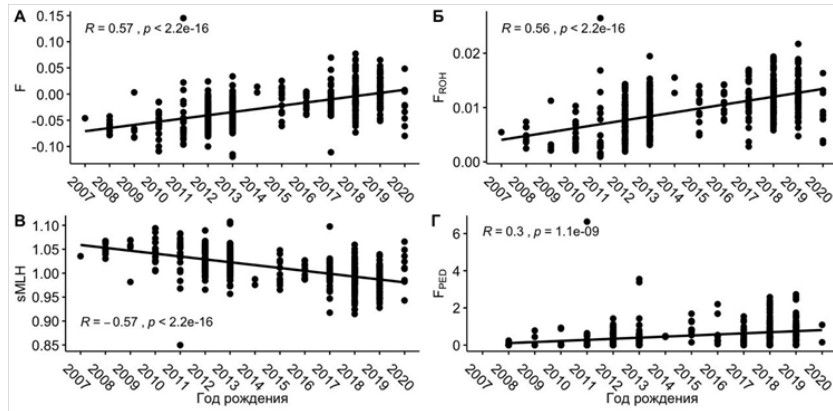


Рис. 2. Корреляция по Пирсону между датой рождения и: А – коэффициентом инбридинга F; Б – коэффициентом инбридинга  $F_{ROH}$ ; В – коэффициентом sMLH; Г – коэффициентом инбридинга  $F_{PED}$ . R – коэффициент корреляции; p – уровень значимости

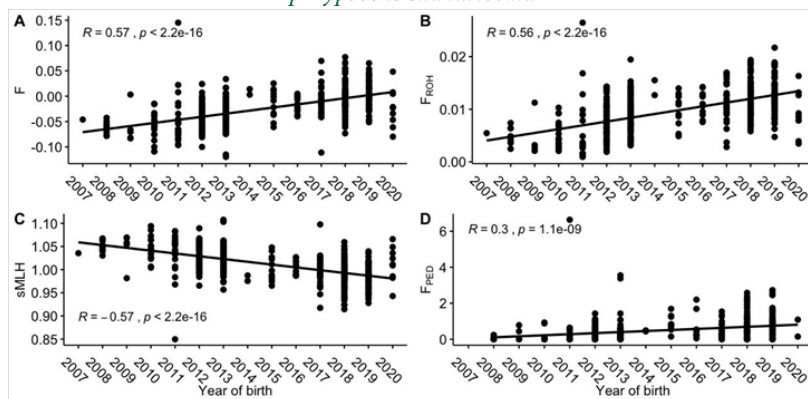


Fig. 2. Pearson correlation between year of birth and: A – inbreeding coefficient F; B – inbreeding coefficient  $F_{ROH}$ ; C – sMLH coefficient; D – inbreeding coefficient  $F_{PED}$ . R – correlation coefficient; p – p-value

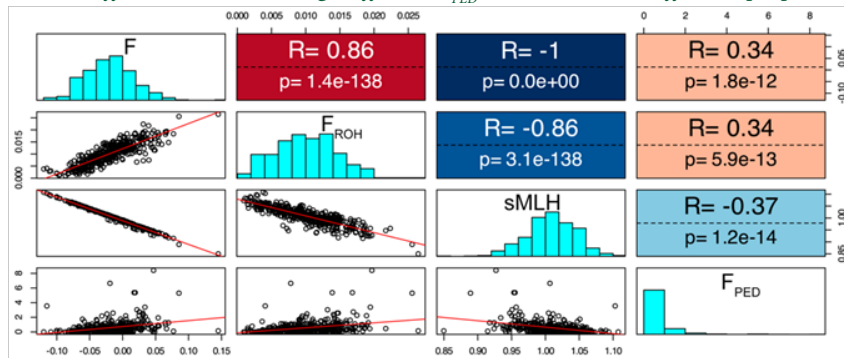


Рис. 3. Корреляция по Пирсону геномных коэффициентов инбридинга F,  $F_{ROH}$ , коэффициента инбридинга, рассчитанного по родословной  $F_{PED}$  и показателя стандартизированной мультилокусной гетерозиготности sMLH. Оттенки красного демонстрируют положительную корреляцию, синие – отрицательную; чем насыщеннее цвет, тем сильнее корреляция. R – коэффициент корреляции; p – уровень значимости

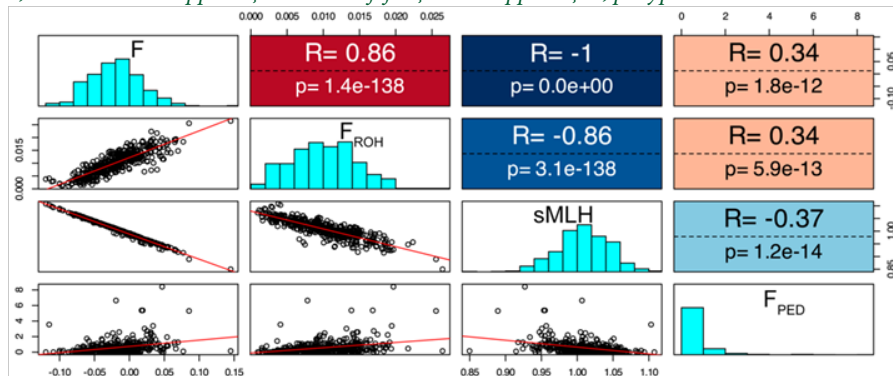


Fig. 3. Pearson correlation of genome inbreeding coefficients F,  $F_{ROH}$ , inbreeding coefficient, calculated by pedigree –  $F_{PED}$  and standard multilocus heterozygosity. Shades of red indicate positive correlation; shades of blue indicate negative correlation; color saturation shows correlation degree. R – correlation coefficient; p – p-value



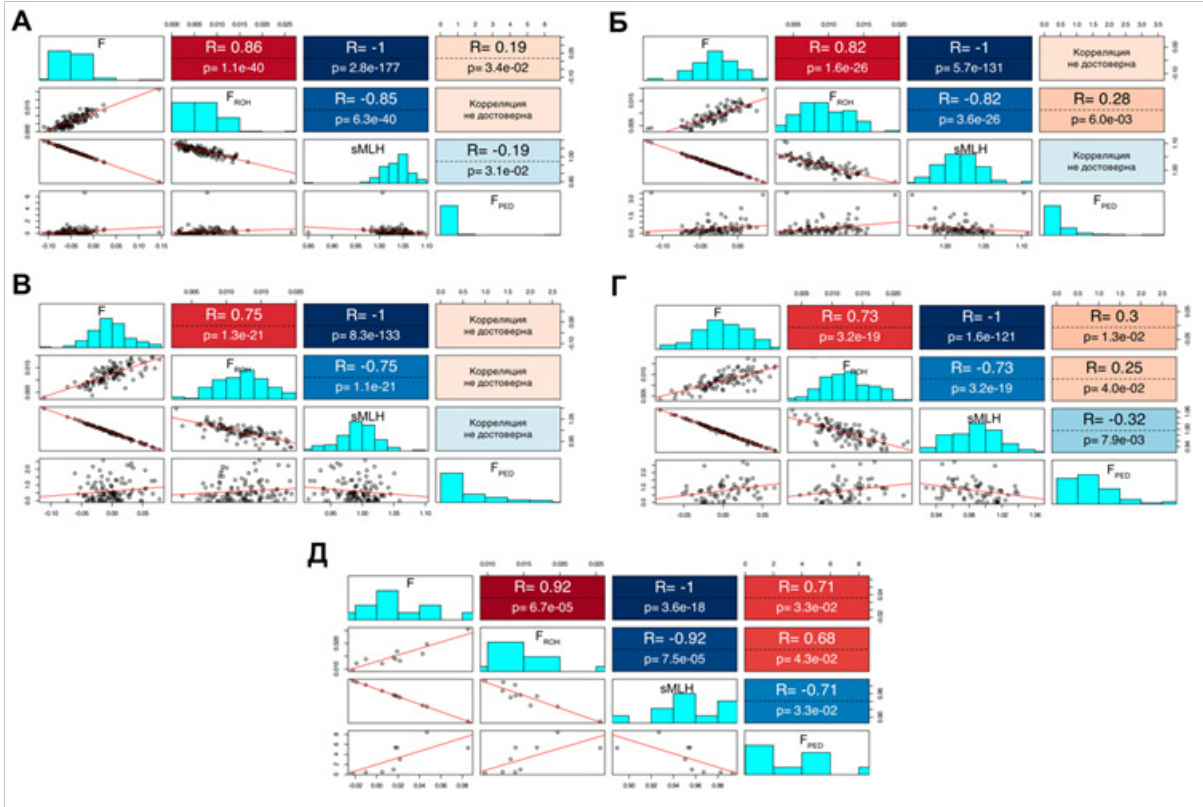


Рис. 4. Корреляции по Пирсону между F, F<sub>ROHP</sub>, F<sub>PED</sub> и sMLH. Исследованные группы: А – 2007–2012; Б – 2013–2016; В – 2017–2018; Г – 2019–2022; Д – голштинские быки. Оттенки красного демонстрируют положительную корреляцию, синие – отрицательную; чем насыщеннее цвет, тем сильнее корреляция. R – коэффициент корреляции; p – уровень значимости

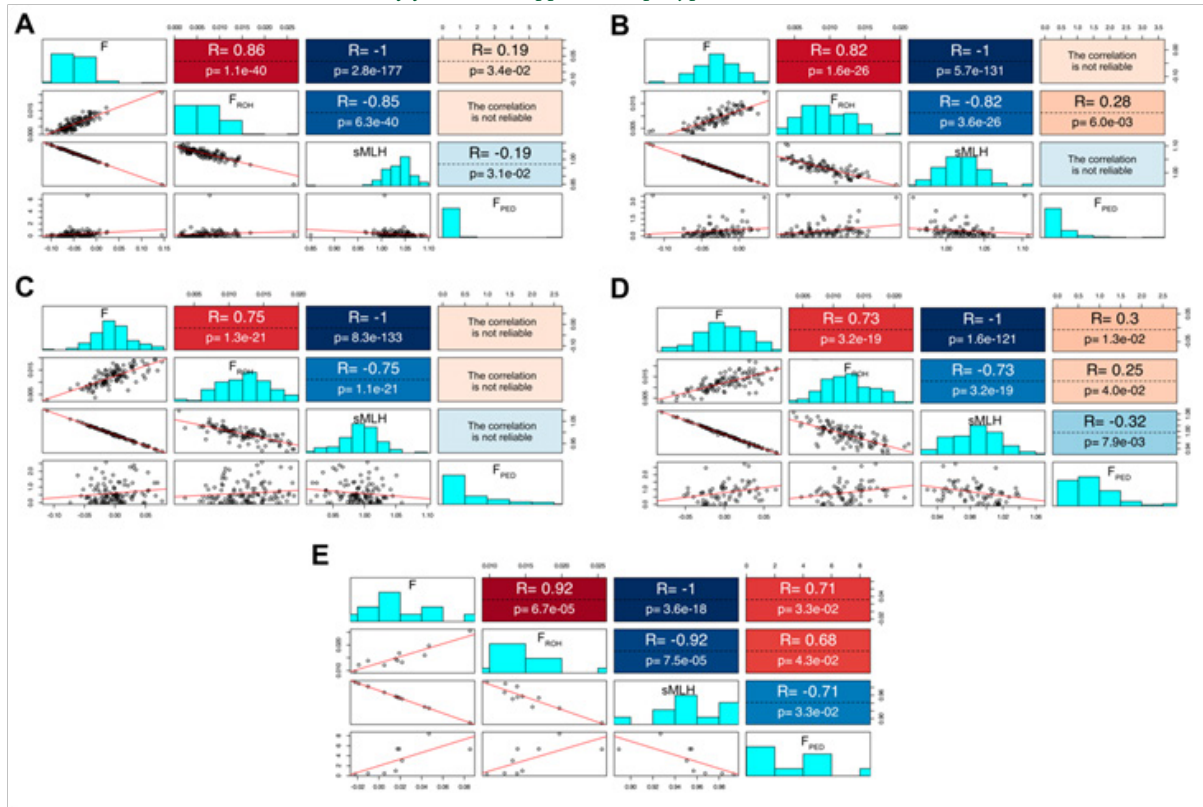


Fig. 4. Pearson correlation between F, F<sub>ROHP</sub>, F<sub>PED</sub> and sMLH. The studied groups: A – 2007–2012; B – 2013–2016; C – 2017–2018; D – 2019–2022; E – Holstein bulls. Shades of red indicate positive correlation; shades of blue indicate negative correlation; color saturation shows correlation degree. R – correlation coefficient; p – p-value.

Оценка геномного инбридинга и гетерозиготности разных возрастных групп и группы голштинских быков показала, что со временем инбридинг в популяции возрастает и безотносительно быков производителей достигает максимума в возрастной группе 2019–2022 годов рождения, что подтверждает выявленную динамику в зарубежных популяциях [1]. Сравнение коэффициента инбридинга, рассчитанного по методике Райта – Кисловского, слабо коррелирует с геномными коэффициентами, в то время как последние значимо коррелируют друг с

другом с высокой степенью достоверности, что как подтверждается моделями [7], так и согласуется с результатами наблюдений динамики изменения инбридинга зарубежных [5; 6; 19] и отечественных исследований [26]. Продолжение использования  $F_{PED}$  как показателя инбридинга в исследованиях его влияния на хозяйственно полезные признаки лимитировано качеством ведения родословных, ограниченного числа животных с геномным подтверждением происхождения и потому может приводить к неверным выводам.

### Библиографический список

1. Stachowicz K., Sargolzaei M., Miglior F., Schenkel F. S. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle // *Journal of Dairy Science*. 2011; 94, No. 10. Pp. 5160–5175. DOI: 10.3168/jds.2010-3308
2. Wright S. Coefficients of Inbreeding and Relationship // *The American Naturalist*. 1922. Vol. 56, No. 645. Pp. 330–338.
3. Кисловский Д. А. Избранные сочинения. Москва: Колос, 1965. 465 с.
4. Донник И. М., Мымрин В. С., Лоретц О. Г., Севостьянов М. Ю., Лиходеевская О. Е., Барашкин М. И. Распределение коров в племенных организациях свердловской области по степени инбридинга // *Аграрный вестник Урала*. 2013. № 4. С. 30–32.
5. Signer-Hasler H., Burren A., Neuditschko M., Frischknecht M., Garrick D., Stricker C., Gredler B., Bapst B., Flury C. Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations // *Genetics Selection Evolution*. 2017. Vol. 49. Article number 83. DOI: 10.1186/s12711-017-0358-6
6. Addo S., Klingel S., Hinrichs D., Thaller G. Runs of Homozygosity and NetView analyses provide new insight into the genome-wide diversity and admixture of three German cattle breeds // *PLoS ONE*. 2019. Vol. 14, No. 12. Article number e0225847. DOI: 10.1371/journal.pone.0225847
7. Kardos M., Luikart G., Allendorf F. W. Measuring individual inbreeding in the age of genomics: marker-based measures are better than pedigrees // *Heredity*. 2015. Vol. 115, No. 1. Pp. 63–72. DOI: 10.1038/hdy.2015.17
8. Донник И. М., Мымрин В. С., Лоретц О. Г., Севостьянов М. Ю., Лиходеевская О. Е., Барашкин М. И. Влияние инбридинга на живую массу коров, экономическая эффективность инбридинга и рекомендации производству // *Аграрный вестник Урала*. 2013. № 6. С. 6–8.
9. Донник И. М., Мымрин В. С., Лоретц О. Г., Севостьянов М. Ю., Лиходеевская О. Е., Барашкин М. И. Влияние инбридинга на молочную продуктивность, качество молока и воспроизводительную способность коров // *Аграрный вестник Урала*. 2013. № 5. С. 15–19.
10. Горелик О. В., Юрченко Н. А., Лиходеевская О. Е., Харлап С. Ю. Эффективность применения инбридинга в молочном скотоводстве // *Логистика в АПК: тенденции и перспективы развития: сборник статей по материалам Всероссийской научной конференции*. Новосибирск, 2020. С. 101–104.
11. Юрченко Н. А., Горелик О. В., Лиходеевская О. Е. Влияние степени инбридинга на продуктивное долголетие коров // *Аграрная наука – сельскому хозяйству: сборник материалов XV Международной научно-практической конференции*. В 2 кн. Кн. 2, Барнаул, 2020. С. 265–266.
12. Недашковский И. С., Костюнина О. В., Волкова В. В., Ермилов А. Н., Сермягин А. А. Оценка племенной ценности быков-производителей голштинской породы по качеству потомства в связи с уровнем гомозиготности по STR-маркерам // *Вестник РГАТУ*. 2019. № 3 (43). С. 36–42.
13. Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Волкова В. В., Сермягин А. А. Влияние уровня гомозиготности по STR-маркерам быков-производителей голштинской породы на показатели наследования типа телосложения их дочерей на основе линейной // *Известия нижевожского агроуниверситетского комплекса*. 2022. № 4. С. 294–302. DOI: 10.32786/2071-9485-2022-04-35
14. Абдельманова А. С., Доцев А. В., Мишина А. И., Шахин А. В., Зиновьева Н. А. Геномная оценка инбридинга у крупного рогатого скота холмогорской, ярославской и голштинской пород // *Молочное и мясное скотоводство*. 2019. № 8. С. 21–23. DOI: 10.33943/MMS.2019.71.27.007
15. Голландская порода // *Сельскохозяйственный энциклопедический словарь*. Москва: Советская энциклопедия, 1989. С. 108.
16. Li C. C., Horvitz D. G. Some methods of estimating the inbreeding coefficient // *American Journal of Human Genetics*. 1953. Vol. 5. Pp. 107–117.
17. Gibson J., Morton N.E., Collins A. Extended tracts of homozygosity in outbred human populations // *Human Molecular Genetics*. 2006. Vol. 15, No. 5. Pp. 789–795. DOI: 10.1093/hmg/ddi493.

18. Slate J., David P., Dodds K. G., Veenvliet B. A., Glass B. C., Broad T. E., McEwan J. C. Understanding the relationship between the inbreeding coefficient and multilocus heterozygosity: theoretical expectations and empirical data // *Heredity*. 2004. Vol. 93. Pp. 255–265. DOI: 10.1038/sj.hdy.6800485.
19. Dadousis C., Ablondi M., Cipolat-Gotet C., van Kaam J. T., Finocchiaro R., Marusi M., Cassandro M., Sabboni A., Summer A. Genomic inbreeding coefficients using imputed genotypes: assessing differences among SNP panels in Holstein-Friesian dairy cows // *Frontiers in Veterinary Science*. 2023. No. 10. Article number 1142476. DOI: 10.3389/fvets.2023.1142476.
20. Hajhosseini A., Nejati-Javaremi A., Miraei-Ashtiani S. R. Genetic structure analysis in several populations of cattle using SNP genotypes // *Animal Biotechnology*. 2023. Vol. 34, No. 2. Pp. 288–300. DOI: 10.1080/10495398.2021.1960360.
21. Lozada-Soto E. A., Tiezzi F., Jiang J., Cole J. B., VanRaden P. M., Maltecca C. Genomic characterization of autozygosity and recent inbreeding trends in all major breeds of US dairy cattle // *Journal of Dairy Science*. 2022. Vol. 105, No. 11. Pp. 8956–8971. DOI: 10.3168/jds.2022-22116.
22. Visser C., Lashmar S. F., Reding J., Berry D. P., Van Marle-Köster E. Pedigree and genome-based patterns of homozygosity in the South African Ayrshire, Holstein, and Jersey breeds // *Frontiers in Genetics*. 2023. No. 14. Article number 1136078. DOI: 10.3389/fgene.2023.1136078.
23. Makanjuola B. O., Miglior F., Abdalla E. A., Maltecca C., Schenkel F. S., Baes C. F. Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle populations // *Journal of Dairy Science*. 2020. Vol. 103, No. 6. Pp. 5183–5199. DOI: 10.3168/jds.2019-18013.
24. Cortes-Hernández J. G., Ruiz-López F. J., Vásquez-Peláez C. G., García-Ruiz A. Runs of homozygosity and its association with productive traits in Mexican Holstein cattle // *PLoS One*. 2022. Vol. 17, No. 9. Article number 0274743. DOI: 10.1371/journal.pone.0274743.
25. Liu D., Chen Z., Zhao W., Guo L., Sun H., Zhu K., Liu G., Shen X., Zhao X., Wang Q., Ma P., Pan Y. Genome-wide selection signatures detection in Shanghai Holstein cattle population identified genes related to adaptation, health and reproduction traits // *BMC Genomics*. 2021. Vol. 22, No. 1. Article number 747. DOI: 10.1186/s12864-021-08042-x.
26. Сермягин А. А., Быкова О. А., Лоретц О. Г., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Оценка геномной вариативности продуктивных признаков у животных голштинизированной черно-пестрой породы на основе GWAS анализа и ROH паттернов // *Сельскохозяйственная биология*. 2020. Т. 55, № 2. С. 257–274. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.2.257rus
27. Смарагдов М. Г., Кудинов А. А. Полногеномная оценка инбридинга у молочного скота // *Достижения науки и техники АПК*. 2019. № 6. С. 51–53. DOI: 10.24411/0235-2451-2019-10612.
28. Недашковский И. С., Сермягин А. А., Костюнина О. В., Волкова В. В., Гладырь Е. А., Янчуков И. Н. Популяционно-генетическая характеристика, оценка геномного инбридинга и гомозиготности крупного рогатого скота черно-пестрой и голштинской пород по STR и SNP маркерам в России // *Вестник Пермского университета. Серия: Биология*. 2021. № 4. С. 295–306. DOI: 10.17072/1994-9952-2021-4-295-306.
29. Недашковский И. С., Сермягин А. А., Костюнина О. В., Янчуков И. Н., Зиновьева Н. А. Влияние уровня геномного инбридинга, оцененного по ROH-паттернам, на воспроизводительные качества и молочную продуктивность дочерей, а также спермопродукцию голштинских быков-производителей // *Достижения науки и техники АПК*. 2021. Т. 35, № 3. С. 39–45. DOI: 10.24411/0235-2451-2021-10307.
30. Croquet C., Mayeres P., Gillon A., Vanderick S., Gengler N. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits // *Journal of Dairy Science*. 2006. Vol. 89, No. 6. Pp. 2257–2267. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72297-4.
31. Doekes H. P., Bijma P., Veerkamp R. F., de Jong G., Wientjes Y. C. J., Windig J. J. Inbreeding depression across the genome of Dutch Holstein Friesian dairy cattle // *Genetics Selection Evolution*. 2020. Vol. 52, No. 1. Article number 64. DOI: 10.1186/s12711-020-00583-1.
32. Rokouei M., Vaez Torshizi R., Moradi Shahrabak M., Sargolzaei M., Sørensen A. C. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran // *Journal of Dairy Science*. 2010. Vol. 93, No. 7. Pp. 3294–3302. DOI: 10.3168/jds.2009-2748.
33. Bjelland D. W., Weigel K. A., Vukasinovic N., Nkrumah J. D. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding // *Journal of Dairy Science*. 2013. Vol. 96, No. 7. Pp. 4697–4706. DOI: 10.3168/jds.2012-6435.
34. Doekes H. P., Veerkamp R. F., Bijma P., de Jong G., Hiemstra S. J., Windig J. J. Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle // *Genetics Selection Evolution*. 2019. Vol. 51, Article number 54. DOI: 10.1186/s12711-019-0497-z.
35. Makanjuola B. O., Maltecca C., Miglior F., Schenkel F. S., Baes C. F. Effect of recent and ancient inbreeding on production and fertility traits in Canadian Holsteins // *BMC Genomics*. 2020. Vol. 21, No. 1. Article number 605. DOI: 10.1186/s12864-020-07031-w.

36. Dijkstra F. J., Sotomaior V. S., Sotomaior C. S. Inbreeding and Its Effects on the Holstein Breed // Research, Society and Development. 2022. Vol. 11, No. 8. Article number e58411831288. DOI: 10.33448/rsd-v11i8.31288.
37. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria [Электронный ресурс]. 2022. URL: <https://www.r-project.org> (дата обращения: 12.11.2022).
38. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M. A., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P. I., Daly M. J., Sham P. C. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses // American Journal of Human Genetics. 2007. No. 81. Pp. 559–575. DOI: 10.1086/519795.
39. Biscarini F., Cozzi P., Gaspa G., Marras G. detectRUNS: Detect Runs of Homozygosity and Runs of Heterozygosity in Diploid Genomes [Электронный ресурс] // R package version 0.9.6. – 2019. URL: <https://CRAN.Rproject.org/package=detectRUNS> (дата обращения: 15.03.2022).
40. Meyermans R., Gorssen W., Buys N., Janssens S. How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species // BMC Genomics. 2020. Vol. 21. Article number 94. DOI: 10.1186/s12864-020-6463-x.
41. Stoffel M., Esser M., Kardos M., Humble E., Nichols H. J., David P., Hoffman J. I. inbreedR: An R package for the analysis of inbreeding based on genetic markers // Methods in Ecology and Evolution. 2016. Vol. 7, No. 11. Pp. 1331–1339. DOI: 10.1111/2041-210X.12588.
42. Shapiro S. S., Wilk M. B. An analysis of variance test for normality // Biometrika. 1965. Vol. 52, No. 3. Pp. 591–611.
43. Van den Boogaart K. G., Tolosana-Delgado R., Bren M. Compositions: Compositional Data Analysis [Электронный ресурс] // R package version 2.0-6. 2023. URL: <https://CRAN.R-project.org/package=compositions> (дата обращения: 09.01.2023).

#### Об авторах:

**Полина Сергеевна Богатова**, аспирант, младший научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории молекулярных и биологических исследований, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0002-6584-2394, AuthorID 1082327.

E-mail: [polina.bogatova.me@gmail.com](mailto:polina.bogatova.me@gmail.com)

**Георгий Александрович Лиходеевский**, аспирант, младший научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории молекулярных и биологических исследований, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0003-2616-2166, AuthorID 1110511.

E-mail: [georglihodey@gmail.com](mailto:georglihodey@gmail.com)

**Оксана Евгеньевна Лиходеевская**, кандидат биологических наук, доцент, заведующая научно-исследовательской лабораторией молекулярных и биологических исследований, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0002-5976-6030, AuthorID 369070.

E-mail: [lixodeevskaya@mail.ru](mailto:lixodeevskaya@mail.ru)

#### References

1. Stachowicz K., Sargolzaei M., Miglior F., Schenkel, F. S. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal of Dairy Science*. 2011; 94 (10): 5160–5175. DOI: 10.3168/jds.2010-3308.
2. Wright S. Coefficients of Inbreeding and Relationship. *The American Naturalist*. 1922; 56 (645): 330–338.
3. Kislovskiy D. A. Selected works. Moscow: Kolos. 1965. 465 p. (In Russ.)
4. Donnik I. M., Mymrin V. S., Loretts O. G., Sevost'yanov M. Yu., Likhodeevskaya O. E., Barashkin M. I. The distribution of cows in breeding farms of sverdlovsk region in the degree of inbreeding. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2013; 4: 30–32. (In Russ.)
5. Signer-Hasler H, Burren A, Neuditschko M, Frischknecht M, Garrick D, Stricker C, Gredler B, Bapst B, Flury C. Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations. *Genetics Selection Evolution*. 2017; 49: 83. DOI: 10.1186/s12711-017-0358-6.
6. Addo S., Klingel S., Hinrichs D., Thaller G. Runs of Homozygosity and NetView analyses provide new insight into the genome-wide diversity and admixture of three German cattle breeds. *PLoS ONE*. 2019; 14 (12): e58411831288. DOI: 10.1371/journal.pone.0225847.
7. Kardos M., Luikart G., Allendorf F. W. Measuring individual inbreeding in the age of genomics: marker-based measures are better than pedigrees. *Heredity*. 2015; 115 (1): 63–72. DOI: 10.1038/hdy.2015.17.
8. Donnik I. M., Mymrin V. S., Loretts O. G., Sevost'yanov M. Yu., Likhodeevskaya O. E., Barashkin M. I. The influence of inbreeding on a live weight of cows, the cost effectiveness of inbreeding and production recommendation. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2013; 6: 6–8. (In Russ.)

9. Donnik I. M., Mymrin V. S., Loretts O. G., Sevost'yanov M. Yu., Likhodeevskaya O. E., Barashkin M. I. Influence of inbreeding on milk producing ability, milk quality and reproductive ability of cows. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2013; 5: 15–19. (In Russian.)
10. Gorelik O. V., Yurchenko N. A., Likhodeevskaya O. E., Kharlap S. Yu. Effectiveness of inbreeding in dairy cattle breeding. *Logistics in the Agro-Industrial Complex: Trends and Development Prospects*: collection of articles based on the materials of the All-Russian scientific conference. Novosibirsk, 2020. Pp. 101–104. (In Russ.)
11. Yurchenko N. A., Gorelik O. V., Likhodeevskaya O. E. Influence of inbreeding degree on productive longevity of cows. *Agrarian Science for Agriculture*: collection of materials of the XV International scientific and practical conference. In 2 vol. Barnaul, 2020. Vol. 2. Pp. 265–266. (In Russ.)
12. Nedashkovskiy I. S., Kostyunina O. V., Volkova V. V., Ermilov A. N., Sermyagin A. A. Estimation of the breeding value of Holstein sire by the quality of offspring in connection with the homosygyity level calculated by STR-markers. *Herald of Ryazan State Agrotechnological University Named after P. A. Kostychev*. 2019; 3: 36–42. (In Russ.)
13. Nedashkovskiy I. S., Konte A. F., Volkova V. V., Sermyagin A. A. The influence of the level of homozygosity for STR-markers of Holstein sires on the indicators of inheritance of the body type of their daughters on the basis of linear assessment. *Izvestia of the Lower Volga Agro-University Complex*. 2022; 4: 294–302. DOI: 10.32786/2071-9485-2022-04-35. (In Russ.)
14. Abdel'manova A. S., Dotsev A. V., Mishina A. I., Shakhin A. V., Zinov'yeva N. A. Genomic assessment of inbreeding in the Kholmogor, Yaroslavl and Holstein breeds of cattle. *Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2019; 8: 21–23. DOI: 10.33943/MMS.2019.71.27.007. (In Russ.)
15. Dutch breed. *Agricultural Encyclopedic Dictionary*. Moscow: Soviet encyclopedia, 1989. P. 108. (In Russ.)
16. Li C. C., Horvitz D. G. Some methods of estimating the inbreeding coefficient. *The American Journal of Human Genetics*. 1953; 5: 107–117.
17. Gibson J., Morton N. E., Collins A. Extended tracts of homozygosity in outbred human populations. *Human Molecular Genetics*. 2006; 15 (5): 789–795. DOI: 10.1093/hmg/ddi493.
18. Slate J., David P., Dodds K. G., Veenliet B. A., Glass B. C., Broad T. E., McEwan J. C. Understanding the relationship between the inbreeding coefficient and multilocus heterozygosity: theoretical expectations and empirical data. *Heredity*. 2004; 93: 255–265. DOI: 10.1038/sj.hdy.6800485.
19. Dadousis C., Ablondi M., Cipolat-Gotet C., van Kaam J. T., Finocchiaro R., Marusi M., Cassandro M., Sabbioni A., Summer A. Genomic inbreeding coefficients using imputed genotypes: assessing differences among SNP panels in Holstein-Friesian dairy cows. *Frontiers in Veterinary Science*. 2023; 10: 1142476. DOI: 10.3389/fvets.2023.1142476.
20. Hajihosseini A., Nejati-Javaremi A., Miraei-Ashtiani S. R. Genetic structure analysis in several populations of cattle using SNP genotypes. *Animal Biotechnology*. 2023; 34 (2): 288–300. DOI: 10.1080/10495398.2021.1960360.
21. Lozada-Soto E. A., Tiezzi F., Jiang J., Cole J. B., VanRaden P. M., Maltecca C. Genomic characterization of autozygosity and recent inbreeding trends in all major breeds of US dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2022; 105 (11): 8956–8971. DOI: 10.3168/jds.2022-22116.
22. Visser C., Lashmar S. F., Reding J., Berry D. P., van Marle-Köster E. Pedigree and genome-based patterns of homozygosity in the South African Ayrshire, Holstein, and Jersey breeds. *Frontiers in Genetics*. 2023; 14: Article number 1136078. DOI: 10.3389/fgene.2023.1136078.
23. Makanjuola B. O., Miglior F., Abdalla E. A., Maltecca C., Schenkel F. S., Baes C. F. Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle populations. *Journal of Dairy Science*. 2020; 103 (6): 5183–5199. DOI: 10.3168/jds.2019-18013.
24. Cortes-Hernández J. G., Ruiz-López F. J., Vásquez-Peláez C. G., García-Ruiz A. Runs of homozygosity and its association with productive traits in Mexican Holstein cattle. *PLoS One*. 2022; 17 (9): 0274743. DOI: 10.1371/journal.pone.0274743.
25. Liu D., Chen Z., Zhao W., Guo L., Sun H., Zhu K., Liu G., Shen X., Zhao X., Wang Q., Ma P., Pan Y. Genome-wide selection signatures detection in Shanghai Holstein cattle population identified genes related to adaptation, health and reproduction traits. *BMC Genomics*. 2021; 22: 747. DOI: 10.1186/s12864-021-08042-x.
26. Sermyagin A. A., Bykova O. A., Loretts O. G., Kostyunina O. V., Zinoviyeva N. A. Genomic variability assess for breeding traits in Holsteinized Russian black-and-white cattle using GWAS analysis and ROH patterns. *Agricultural Biology*. 2020; 55 (2): 257–274. DOI: 10.15389/agrobiol.2020.2.257rus.
27. Smaragdov M. G., Kudinov A. A. Full genome inbreeding assessment of dairy cattle. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2019. No. 6: 51–53. DOI: 10.24411/0235-2451-2019-10612.
28. Nedashkovskiy I. S., Sermyagin A. A., Kostyunina O. V., Volkova V. V., Gladyr' E. A., Yanchukov I. N. Population and genetic features, genomic inbreeding and homozygosity level for black-and-white and Holstein breeds by STR and SNP markers in Russia. *Bulletin of Perm University. Biology*. 2021; 4: 295–306. DOI: 10.17072/1994-9952-2021-4-295-306. (In Russ.)

29. Nedashkovskiy I. S., Sermyagin A. A., Kostyunina O. V., Yanchukov I. N., Zinov'yeva N. A. Influence of the level of genomic inbreeding assessed by roh-patterns on reproductive qualities and milk productivity of daughters and sperm productivity of holstein sires. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2021; 35 (3): 39–45. DOI: 10.24411/0235-2451-2021-10307. (In Russ.)
30. Croquet C., Mayeres P., Gillon A., Vanderick S., Gengler N. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. *Journal of Dairy Science*. 2006; 89 (6): 2257–2267. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72297-4.
31. Doekes H. P., Bijma P., Veerkamp R. F., de Jong G., Wientjes Y. C. J., Windig J. J. Inbreeding depression across the genome of Dutch Holstein Friesian dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2020; 52: 64. DOI: 10.1186/s12711-020-00583-1.
32. Rokouei M., Vaez Torshizi R., Moradi Shahrababak M., Sargolzaei M., Sørensen A. C. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *Journal of Dairy Science*. 2010; 93 (7): 3294–3302. DOI: 10.3168/jds.2009-2748.
33. Bjelland D. W., Weigel K. A., Vukasinovic N., Nkrumah J. D. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *Journal of Dairy Science*. 2013; 96 (7): 4697–4706. DOI: 10.3168/jds.2012-6435.
34. Doekes H. P., Veerkamp R. F., Bijma P., de Jong G., Hiemstra S. J., Windig J. J. Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2019; 51 (1): 54. DOI: 10.1186/s12711-019-0497-z.
35. Makanjuola B. O., Maltecca C., Miglior F., Schenkel F. S., Baes C. F. Effect of recent and ancient inbreeding on production and fertility traits in Canadian Holsteins. *BMC Genomics*. 2020; 21 (1): 605. DOI: 10.1186/s12864-020-07031-w.
36. Dijkstra F. J., Sotomaior V. S., Sotomaior C. S. Inbreeding and Its Effects on the Holstein Breed. *Research, Society and Development*. 2022; 11 (8): e58411831288. DOI: 10.33448/rsd-v11i8.31288.
37. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria [Internet] 2022 [cited 2022 Nov 12]. Available from: <https://www.r-project.org>.
38. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M. A., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P. I., Daly M. J., Sham P. C. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*. 2007; 81: 559–575. DOI: 10.1086/519795.
39. Biscarini F., Cozzi P., Gaspa G., Marras G. detectRUNS: Detect Runs of Homozygosity and Runs of Heterozygosity in Diploid Genomes. R package version 0.9.6. 2019. [Internet] [cited 2022 Mar 15]. Available from: <https://CRAN.Rproject.org/package=detectRUNS>.
40. Meyermans R., Gorssen W., Buys N., Janssens S. How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species. *BMC Genomics*. 2020; 21 (1): 94. DOI: 10.1186/s12864-020-6463-x.
41. Stoffel M., Esser M., Kardos M., Humble E., Nichols H. J., David P., Hoffman J. I. inbreedR: An R package for the analysis of inbreeding based on genetic markers. *Methods in Ecology and Evolution*. 2016; 7 (11): 1331–1339. DOI: 10.1111/2041-210X.12588.
42. Shapiro S. S., Wilk M. B. An analysis of variance test for normality. *Biometrika*. 1965; 52 (3): 591–611.
43. Van den Boogaart K. G., Tolosana-Delgado R., Bren M. compositions: Compositional Data Analysis. R package version 2.0-6 [Internet]. 2023 [cited 2023 Jan 1]. Available from: <https://CRAN.R-project.org/package=compositions>.

#### Authors' information:

**Polina S. Bogatova**, postgraduate, junior researcher, research laboratory of molecular and biological research, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0002-6584-2394, AuthorID 1082327.

*E-mail: polina.bogatova.me@gmail.com*

**Georgiy A. Likhodeevskiy**, postgraduate, junior researcher, research laboratory of molecular and biological research, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0003-2616-2166, AuthorID 1110511.

*E-mail: georglihodey@gmail.com*

**Oksana E. Likhodeevskaya**, candidate of biological sciences, associate professor, head of the research laboratory of molecular and biological research, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0002-5976-6030, AuthorID 369070. *E-mail: lixodeevskaya@mail.ru*